

Fig. 1.

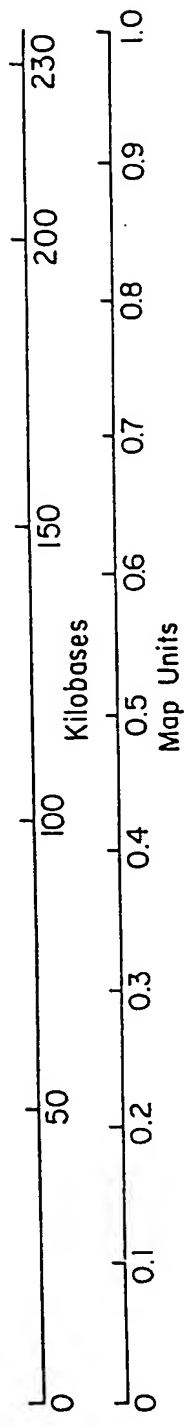
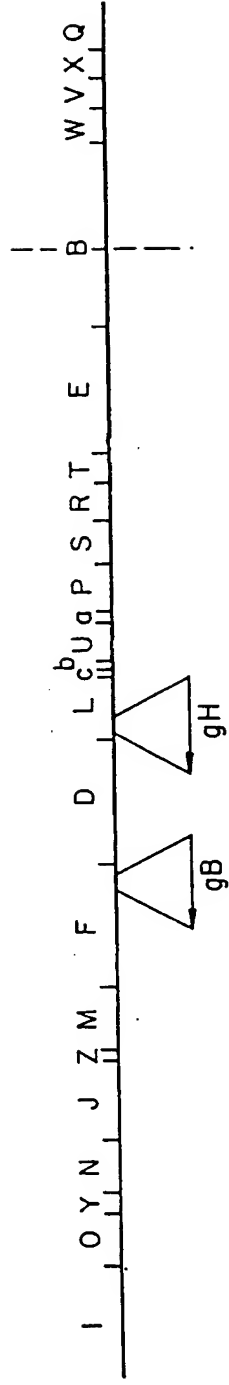


Fig. 2(a)

```

EBV  MTRRR-----VLSVVVLLAALACRLGAUTPEQ-----PAPPATTVOPTATROO--
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
CMV  MESR-----IWCLVVCVNLCLVCLGAAVSSSSTSHATSSSTHNGSHTSRTTSAQTRSVYSOHVTSSEAVSH
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HSV  MRQGAARGCRWFVVWALLGLTLGLVLMASAAPSSPGTSGVAAATQAAANGGPATPAPPAPGPAPTGDTKPKK

EBV  -----TSFPFRVCELSSHGDLFRFSSDIQCPSF-GTRR
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
CMV  -----RANETIYNTILKYGOVVGVNTTKYPYRVCSMAOQTDLIRFERNICTSMKPINE
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HSV  NKKPKNPPPPRAGDNATVAAGHATLRFHLRDIKAENTDANFYVCPPTGATVVQFEOPRRCPTR--PEGO

EBV  NHTEGLLMVFKDNIIPYSFKVRSYTKIVTNILIYNGWYADSVTNRHEEKFSVDSYET-DOMDTIYQCYN
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
CMV  DLDEGIMVVYKRNIVAHITFKVRVYOKVLTERRSYAYIYTTYLLGSNTEYVAPPMWEI-HHINKFAQCYSS
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HSV  NYTEGIAVVFKENIAPYKFKATMYKDVTSQVWFGRHYSQFMGIFEDRAPVPFEEVIDKINAKGVCIRST

EBV  VKMTKDGLTRVYVDRDGVNITVNLKPTGGLANGVRRYASQTELYDAPCWLIIWYTRTRITVNCIITOMMAK
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
CMV  YSRVIGGTVFVAYHRDSYENKTMOLIPDDYSNTHSTRYVTVKDOHSGSTWLRYRETCNLCMLTITTAR
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
HSV  AKYVRNNLETTAFHRDDHETUMELK-PANAAATRTSRGWHHTDLKYNPSRVEAFHRYGCTTVNCIVEEVDAR

```

Fig. 2(b)

EBV	SNSPFDFFVTTTGOTVEMSPFYDGK-NKETFER--ADSFHVRTNYKIVDYDNRGTNPOGERR--AFLOK
CMV	SKYPYHFFATSTGDVVYISPFYNGT-NRNASYFGENADKEFI ¹ FPNYTIVSDFGRPNAAPETHRLVAFLE ² R
HSV	SVYPYDEFVLATGDFVYMSPFYGYREGSHT ³ HTSYAADR ⁴ FKOV ⁵ DG ⁶ FYAR ⁷ DLTTKARATAPTTRNLLTTPK
EBV	GYTTL ⁸ SWKLE-NRTAYC ⁹ PLOHWOTEDSTIATEIGKSIHFVTD ¹⁰ EGTSSFVTNTTVGIELPDAF-KCIEEOV
CMV	ADSVISWDIQDEKNVTCOLTFWEASERTIR ¹¹ SEAE ¹² SYHFSSAKMTATFLSKKOE ¹³ VNM ¹⁴ SDSAL-DCV ¹⁵ RDEA
HSV	FTVAWDVVPK--RPSVCTMTKWQEVDEMLRSEYGG ¹⁶ SFRFSSDAISTTFTTNLT ¹⁷ EYPLSRV ¹⁸ DLGDCIGKDA
EBV	NKTMHEKYEAVQDRYTKGQEAITYFITSGGLLLAWLPLTPRSLATVKNLT ¹⁹ ELTTPTSSPPSSPPSPAPSA
CMV	INKLQOIFNTSYNGTYEKYGNVSVFETSGGLVVF ²⁰ WG ²¹ IKOKSLV ²² ELERLANRSSLNITHRTRRST-----
HSV	RDAMDRIFARRYNATHIKVGO ²³ PQYYLANGGFLIAYQPLLSNTLAELYV ²⁴ REHLREQSRKPPNPTPPPPGAS
EBV	NKTMHEKYEAVQDRYTKGQEAITYFITSGGLLLAWLPLTPRSLATVKNLT ²⁵ ELTTPTSSPPSSPPSPAPSA
CMV	INKLQOIFNTSYNGTYEKYGNVSVFETSGGLVVF ²⁶ WG ²⁷ IKOKSLV ²⁸ ELERLANRSSLNITHRTRRST-----
HSV	RDAMDRIFARRYNATHIKVGO ²⁹ PQYYLANGGFLIAYQPLLSNTLAELYV ³⁰ REHLREQSRKPPNPTPPPPGAS

Fig. 2(c)

```

EBV  ARGSTPAVLRRRRRDAGNATTPVPPTAPGKSLGTLNNPATVQIOFAYDSLRRQINRMLGDLARAWCLEQ
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CMV  -----SDNNTTHLSSMESVH-----NLVYAOLQFTYDTLGRYINRALAQIAEAWCVDO
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
HSV  -----ANASVERIKTTSSIEF-----ARLQFTYNHIORHVNDMLGRVAIAWCELO

EBV  KRONMVLRELTKINPTTVMSSIIYGKAVAAKRLGDVIVSVSOCVPVNOATVTLRKSMRVPGSETMCYSRPLV
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CMV  RRTLEVFKELSKINPSAILSAIYNKPIAARFMGDVGLGLASCVTINQTSVKVLRDMNVKESGPCRCYSRPVV
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
HSV  NHELTLWNEARKLNPNAIASATVGRKVSARHLGDVMAVSTCVPVAADNVIVQNSMRISSRPGACYSRPLV

EBV  SFSFINDTKTYEGOLGTDNEIFLTKKMTEVCQATSQYYFQSGNEIHVYNDYHHFKTIELDGIATLOTFIS
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CMV  IFNFANSSVVOYGOLGEDNEILLGNHRTTEECQLPSLKIFIAGNSAYEYVDYLFKRMLDLSSISTVDSMIA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
HSV  SFRYEDQGPLVEGOLGENNELRLTRDAIEPCTVGHRRYFTFGGGVYFEEYAYSHOLSRADITTVSTFID

EBV  LNTSLIENIDFASLELYSRDEQRASNVFDLFGIFREYNFQAQNIAGLRKLDLONAVSNGRNOFVDGLGELM
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CMV  LDIDPLENTDFRVLELYSOKELRSSNVFDLEEIMREFNSYKORVKYVEDKVVDLPPYLYKGLDDLML
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
HSV  LNIITMLEDHFPLEVYTRHEIKDSGLLDYTEVORRNQLHDLRFA---DIDTVIHADANAAMFAGLGGAFF

```

Fig. 2(d)

EBV	DSLGSVGOSITNLVSTVGGLFSSLSVSGFISFFKKNPPFEGGHLILVLVAGVVILVISLTT	IRRTROMSQOQPVQML
CMV	SGLGAAGKAVGVAIGAVGGAVASVVEGVATFLKKNPPFGAFTIILVAIAVITYLYITRQRRLLCTOPLONL	
HSV	EGMGDLGRAVGKVVMGIVGGVVSAVSGVSSFSNPPFGALAVGLLVLVAGLAAAFFAFRYYVNRLQSNPMKAL	

```
EBV      : --ASGEGPGINPISKTELQ-AIMLALHEQNQEOKRAAQAAGPSVASRALOAARDRF
CMV      : FPYLV SADGTTVTSGSTKDTSLQAPPSYEESVYNSGRKGCPGPASSDASTAAPPTNEOAYOMLLALARLD
HSV      : YPLTTKELKNPTNP DASGECEGGDFDEAKLA EAREMIRYMALVSAMERTEHKAKKKGT S-ALLSAKVTD
```

ERV PGLRRRRYHDPETAAALLGEA-ETEF
 :
 CMV AEQRAQQNGTDSLDGQTGTQDKGCKPNLLDRLRHRKNGYRHLKDSDEENV
 :
 HSV MVMRKRRRNTNYTQVPNKDGDADDDL

Fig.3(a)

↓
1 CCGCGCGCTCTCGGGTGTCTTCAGGGAGCGGACCGACCTTGCGTCTCAAGTCGGTATCCCTCTCTCGACTGCGGGTGTTCGCGAGGGTCCGCGGACACGCAAGAGACCGAC
M E S R I W C L V V C V N L C I V C L G A A V S S S T
121 GCGGCTCATCGCTCGTGGATTTCGCGCGACCGAACA TGGAAATCCAGGATCTGGGTGCTGCTAGTCTGCGTTAACCTGTGTATCGTCTGTGGTGTGCGGTTCTCTCTAGTACT
S H A T S S T H N G S H T S R T T S A Q T R S V Y S Q H V T S S E A V S H R A N
241 TCCATGCAACTCTCTACTCACAATGGAAGCCATACTCTCGTAGCGGTCTGCTCAAAACCGGTCACTATTCTCAACACGTAACGTTCTCTGAAGCCGTCACTATAGAGCCAAC
E T I Y N T T L K Y G D V V G V N T T K Y P Y R V C S M A Q G T D L I R F E R N
361 GAGACTATCACAACACTACCTCAAGTACGGAGATGTGTGGGAGTCAACACTACCAAGTACCCCTATCGCGTGTCTATGCCCCAGGGTACGGATCTTATTCGCTTTGAAAGTAA
I I C T S M K P I N E D L D E G I M V V Y K R N I V A H T F K V R V Y Q K V L T
481 ATCATCTGCACCTCGATGAGCCTATCAATGAAGACTTGGATGAGGGCATCATGTGGTCTACAGCGCAACATCGTGGCGCACACCTTTAAGGTACGGGTCTACCAAAGGTTTTCACG
F R R S Y A Y I Y T T Y L L G S N T E Y V A P P M W E I H H I N K F A Q C Y S S
601 TTTCGTGTAGCTAGCTTACATCTACACCACTTATGTGTGGGAGCAATACGGAAATAGTGGCGCTCTCTATGTGGAGATTTCATCACAATCAACAAGTTTGCTCAATGTCTACAGTTCC
Y S R V I G G T V F V A Y H R D S Y E N K T M O L I P D D Y S N T H S T R Y V T
721 TACAGCCGCTTATAGGAGGCACGGTTTTCGTGGCATATCATAGGACAGTTATGAAMACAAACCATGCAATTAAATTCGACGATTATTCCAACACCCACAGTATCCGTTACGTGACG
V K D Q W R S R G S T W L Y R E T C N L N C M L T I T T A R S K Y P Y R F F A T
841 GTCAAGGATCAGTGGCACAGCCGCGCAGCACCTGGCTCTATCGTGAGACTGTATCTGAACCTGTATGCTGACCAATCACTACTGGCGGCTCCAGGTATCTTATCATTTTTTTTTCGAAT
S T G D V V Y I S P F Y N G T N R N A S Y F G E N A D K F F I F P N Y T I V S D
961 TCCAGGGTGATGTGTTTACATTCTCTTCTACAGGGAACCAATCCCAATGCCAGTACTTTGGAGCAAAACCGCGACAAGTTTTTTCATTTTCCGAACTACACCATCGTTTCGAC

Fig.3(b)

F G R P N A A P E T H R L V A F L E R A D S V I S W O J O D E K N V T C O L T F
1081 TTGGAGACCAACGCTGCGCAGAACCCATAGGTGTGGCTTTCTCGAACGTGCGACTGCGTATCTTTGGGATATACAGGACGAGAGAATGTCACTGCCAGCTCACCTTC
W E A S P R T I R S E A E D S Y H F S S A K M T A T F L S K K O E V N M S D S A
1201 TGGGAGCTCGGAACGTACTATCCGTTCCGAGCCGAAGACTCGTACCACTTTCTTCCCAAAATGACTCGAACTTTTCTCTTAAGAAACAGAAGTGAACATGTCCGATCTCCGCG
L D C V R D E A I N K L O O I F N T S Y N O T Y E K Y G N V S V F E T S G G I V
1321 CTGGACTCGGTAGGTATGAATAGTTACAGCAGATTTTCAAJACTTCAACAATCAAACTATGAAATACGGAACAGTGTCTCTTCGAAACCAAGCGCGCTGTGGTG
V F W O G . I K Q K S L V E L F E R L A N R S S I . N I T H R T R R S T S D N N T . T H
1441 GTGTTCTGGCAAGGCATCAAGCAAAATCTTTGTGGAAATTGGAACGTTTGGCCAATCGATCCAGTCTGAATATCACTCATAGGACCCAGAGAAGTACGAGTGACAAATATACAACTCAL
L S S M E S V H N L V Y A O L O F T Y D T L R G Y I N R A L A O J A E A W C V D
1561 TTGTCAGCATGCAATCGGTGCCAATCTGTGCTACGCCAGCTGCAGTTCACTATGACACGTTGCCGGTTACATCAACCGCGCGCTGGCGCAAAATCCAGAGGCTCTGGGTGTGGAT
Q R R T L P V F K E L S K I N P S A I L S A I Y N K P I A A R F M G D V L G L A
1681 CAACGGCGCACCTAGAGTCTCAAGGAACTCAGCAAGATCAACCGTCAGCCCACTCTCGGCCATTCTCGGCCATTACACAACACCGATTGCCGCGCTTTCATGGGTGATGTCTTGGCTGGCG
S C V T I N Q T S V K V L R D M N V K E S P G R C Y S R P V V I F N F A N S S Y
1801 AGCTGCGTGACCATCAACCAACAGCGTCAGGTGCTGCGTGATATCAAGTGAAGGAATCGCCAGGACGCTGTACTCAGGACCCGTGCTCATCTTTAAATTCGCCAACAGGCTCGTAC
V Q Y G Q L G E D N E I L L G N H R T E E C O L P S L K I F I A G N S A Y E Y V
1921 GTCGAGTACGTCAACTGGCGGACGACAAAGAAATCTGTGGGCAACCAACCGCACTGAGGAATGTCAGCTTCCAGCTCAAGATCTTCATGCCCGGGAACCTCGGCTACGAGTACGTAC
D Y L F K R M I D L S S I S T V D S M I A I . D I D P L E N T D F R V L E L Y S O
2041 GACTACCTCTTCAAAGCATGATTGACCTCAGCAGTATCTCCACCTCGACAGCATGATCGCCCTGGATATCGACCGCTGGAAATACCGAATTCAGGCTTACGGGTACTGGAACTTACTCGCAG

Fig.3(c)

K E L R S S N V F D L E E I M R E F N S Y K O R V K Y V E D K V V D P L P P Y L
2161 AAAGAGCTGGCGTTCCAGCAAGCTTTTGTGACCTCGAAGAGATCATCGCGAATTCAACTCGTACAGCAGCGGTAAAGTACGTGGAGGACAGAGTAGTCGACCGCTACCGCCCTACCTC

K G L D O I M S G L G A A G K A V G V A I G A V G G A V A S V V E G V A T F L K
2181 AAGGTTCTGGACGACCTCATGAGCGGCTGGGGCGCGCGGGAAGGGCCGTTGGCGTAGCCATTGGGGCGGTGGTGCGCGGTGCTCGTGTGTCGAAGCGGTGCCACCTTCCTCAAA

N P F G A F T I I L V A I A V V I I T Y L I Y T R O R R I C T Q P L Q N L F P Y
2401 AACCCCTTCGGAGCCTTACCATCATCTCGTGCCATAGCCGTAGTCATTATCACTTATTGATTTATCTCGACAGCGCGCTGTGCAGCGAGCTTTCCTCCCTAT

L V S A D G T T V T S G S T K D T S L Q A P S Y E F S V Y N S G R K G P G P P
2521 CTGGTGTCCGACGGGACCAACCGTGACGTGGGGCAGCACCAAGACACAGCTGTTACAGGCTCCGCTTCTACGAGGAAGTGTATATAATTCTGTGTCGAAGCAGCGGACCCACCG

S S D A S T A A P P Y T N E Q A Y Q M L L A I A R L D A E O R A O O N G T D S L
2641 TCGTCTGATGCATCCAGCGGCTCCGCTTACACCAAGCAGGCTTACGAGTGTCTTCTGGCCCTGGCCCTCTGGACCGCAGAGCGGCGCAGCAGACGGTACAGATTCTTGG

D G O T G T Q D K G O K P N L L D R L R H R K N G Y R H L K D S D E E N Y
2761 GACGCAGAGACTGGCAGCAGGACAGGGACAGAGCCTAACCTGCTAGACCGGCTGGACATCGCAAAACGGCTACAGACACTTGAAGACTCCGACGAAAGAGAACGCTCTGAACC

2881 AGGAGGAAAAAACTAGACAAAAAATATTGACACAGAGACTTGTGATATACGGGGTTAAACTGGATATCTAGGTGCTGCATGTGTATTTTCTTTGTGATTTTGTCTTAAAGCTGTCA
↓

3001 GCCTCTCAGCGTCCGCTATGTTTTTCAACCCGATATCTGAGCGGGCGGTGACCGCGCGGTGCGGTGCGCGGTTCAGCGGTTCGACCCCGCTCCGCGCAGGGCTCGGGCAAGC

3121 GGCCG

9/12

Fig.4.

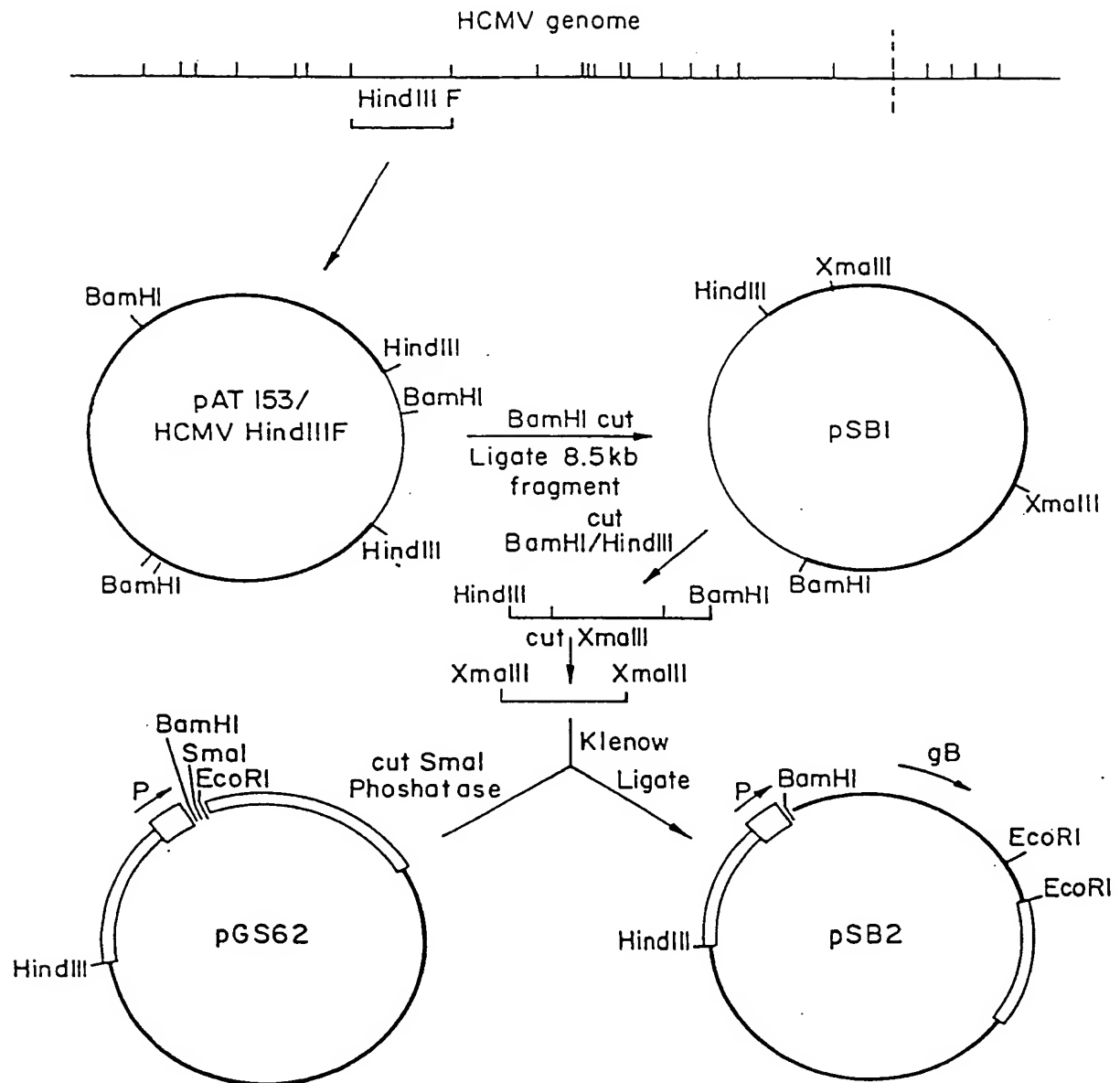


Fig. 5(a)

CGCAGAGCGTTTCCCCCGTTCGAATCAGCGTCTGTCCCCACGCCGGCAGGCATGGCTTACCCG

61 CGTGTCCCCTCTTCTTCCTTCGCAGCGGCCAATGACATCGTATTAATAGACAGAGACGC

121 GACTTTTGTAAACCGTAGCGCCACACCCGGGTGCCCTTCTCTGGGATCCTTTCTCTCCTT

181 CTCTCGGGTGTAACGCCAACCACCACCTGGATCAGCCGCTGAACCCAGCGGGCGCAGCC

M R P G L P P Y L T V F T T V Y L L S H

241 CGCTATGCGGCTCCCGGCTCCCCCTACCTCACTGTCTTCACCGTCTACCTCCTCAGTCA

L P S Q R Y G A D A A S E A L D P H A F

301 CCTACCTTCGCAACGATATGGCGCGGACGCCGCATCCGAAGCGCTGGACCCTCACGCATT

H L L L N T Y G R P I R F L R E N T T Q

361 TCACCTACTACTCAACACCTACGGGAGACCCATCCGCTTCTGCGTGAAAACACCACCCA

C T Y N S S L R N S T V V R E N A I S F

421 GTGCACCTACAACAGCAGCCTCCGTAACAGCACGGTCGTCAGGAAAACGCCATCAGTTT

N F F Q S Y N Q Y Y V F H M P R C L F A

481 CAACTTTTTCCAAAGCTATAATCAATACTATGTATTCCATATGCCTCGATGTCTTTTTGC

G P L A E Q F L N Q V D L T E T L E R Y

541 GGGTCCTCTGGCGGAGCAGTTTCTGAACCAGGTAGATCTGACCGAAACCCTAGAAAGATA

Q Q R L N T Y A L V S K D L A S Y R S F

601 CCAACAGAGACTTAACACCTACGCATTGGTATCCAAAGACCTGGCCAGCTACCGATCTTT

S Q Q L K A Q D S L G Q Q P T T V P P P

661 TTCGCAGCAGCTGAAGGCACAAGACAGCCTGGGTGAGCAGCCACCACCGTGCCACCGCC

I D L S I P H V W M P P Q T T P H D W K

721 CATTGATCTGTCAATACCTCACGTTTGGATGCCACCCCAAACCACTCCACACGACTGGAA

G S H T T S G L H R P H F N Q T C I L F

781 GGGATCGCACACCACCTCGGGACTACATCGGCCACACTTTAACCAGACCTGTATCCTCTT

D G H D L L F S T V T P C L H Q G F Y L

841 TGATGGACACGATCTGCTTTTACGACCGTTACGCCCTGTCTGCACCAGGGCTTTTACCT

M D E L R Y V K I T L T E D F F V V T V

901 CATGGACGAACTACGTTACGTTAAATCACACTGACCGAGGACTTCTTCGTAGTTACGGT

S I D D D T P M L L I F G H L P R V L F

961 ATCTATAGACGACGACACACCCATGCTGCTTATCTTCGGTCATCTTCCACGCGTACTCTT

11/12

Fig. 5(b)

K A P Y Q R D N F I L R Q T E K H E L L
102| CAAAGCGCCCTATCAACGCGACAACCTTTATACTACGACAACTGAAAAACACGAGCTCCT
V L V K K A Q L N R H S Y L K D S D F L
108| GGTACTAGTTAAGAAAGCTCAACTAAACCGTCACTCCTATCTCAAAGACTCGGACTTTCT
D A A L D F N Y L D L S A L L R N S F H
114| CGACGCCGCACTCGACTTCAACTACCTGGACCTCAGCGCACTGTTACGTAACAGCTTTCA
R Y A V D V L K S G R C Q M L D R R T V
120| CCGTTACGCTGTAGACGTACTCAAAAGCGGTGCGATGTCAAATGTTGGACCGCCGCACGGT
E M A F A Y A L A L F A A A R Q E E A G
126| AGAAATGGCCTTCGCCTACGCATTAGCACTGTTTCGCGGCAGCCCGACAAGAAGAGGCCGG
T E I S I P R A L D R Q A A L L Q I Q E
132| CACCGAAATCTCCATCCCACGAGCCCTAGACCGCCAGGCCGCACTCTTACAAATACAAGA
F M I T C L S Q T P P R T T L L L Y P T
138| ATTTATGATCACCTGCCTCTCACAAACACCACCACGCACCACATTGCTGCTATATCCCAC
A V D L A K R A L W T P D Q I T D I T S
144| AGCCGTGGACCTGGCCAAACGAGCCCTCTGGACGCCGGACCAGATCACCGACATCACCG
L V R L V Y I L S K Q N Q Q H L I P Q W
150| CCTCGTACGCCTGGTCTACATACTTTCTAAACAGAATCAGCAACATCTCATTCGCCAGTG
A L R Q I A D F A L Q L H K T H L A S F
156| GGCACTACGACAGATCGCCGACTTTGCCCTACAATTACACAAAACGCACCTGGCCTCTTT
L S A F A R Q E L Y L M G S L V H S M L
162| TCTTTCAGCCTTCGCGCGCCAAGAACTCTACCTCATGGGCAGCCTCGTCCACTCCATGTT
V H T T E R R E I F I V E T G L C S L A
168| GGTACATACGACGGAGAGACGCGAAATCTTCATCGTAGAAACGGGCCTCTGTTTCATTGGC
E L S H F T Q L L A H P H H E Y L S D L
174| CGAGCTATCACACTTTACGCAGTTGCTAGCTCATCCGCACCACGAATACCTCAGCGACCT
Y T P C S S S G R R D H S L E R L T R L
180| GTACACACCCTGTTCCAGTAGCGGGCGACGCGATCACTCGCTCGAACGCCTCACGCGTCT
F P D A T V P A T V P A A L S I L S T M
186| CTTCCCGATGCCACCGTTCCCTGCTACCGTTCCCGCCGCCCTCTCCATCCTATCTACCAT
Q P S T L E T F P D L F C L P L G E S F
192| GCAACCAAGCACGCTGGAAACCTTCCCCGACCTGTTTGTCTGCCGCTCGGCGAATCCTT

12/12

Fig.5(c)

S A L T V S E H V S Y V V T N Q Y L I K
198| CTCCGCGCTAACCGTCTCCGACACGTCAGTTATGTCGTAACAAACCAGTACCTGATCAA
G I S Y P V S T T V V G Q S L I I T Q T
204| AGGTATCTCCTACCCTGTCTCCACCACCGTCGTAGGCCAGAGCCTCATCATCACCCAAAC
D S Q T K C E L T R N M H T T H S I T A
210| GGACAGTCAAACATAAATGCGAACTAACGCGCAACATGCACACCACACACAGCATCACAGC
A L N I S L E N C A F C Q S A L L E Y D
216| GCGCTCAACATTTCACTAGAAAACGCGCCTTTTGCCAAAGCGCCCTGCTAGAATACGA
D T Q G V I N I M Y M H D S D D V L F A
222| CGACACGCAAGGCGTCATCAACATCATGTACATGCACGACTCGGACGACGTCCTTTTCGC
L D P Y N E V V V S S P R T H Y L M L L
228| CCTGGATCCCTACAACGAAGTGGTGGTCTCATCTCCGCGAACTCACTACCTCATGCTTTT
K N G T V L E V T D V V V D A T D S R L
234| GAAAAACGGTACGGTCCTAGAAGTAACTGACGTCGTCGTGGACGCCACCGACAGTCGTCT
L M M S V Y A L S A I I G I Y L L Y R M
240| CCTCATGATGTCCGTCTACGCGCTATCGGCCATCATCGGCATCTATCTGCTCTACCGCAT
L K T C
246| GCTCAAGACATGCTGACTGTAGAACCTGACAGTTTATGAGAAAAGGGACAGAAAAGTTAA
252| AGACATTACACAAAATCTTCTAAAACGGTACGGGCCCCAATACTTAGGGGCACTCTTGC
258| TCGTTGTAATAAAGTACACGCCACACGGTGTGATGGTACTATATGCGTGAGGTCTGTGCG
264| TCTTTATTTACGAGGTACTGTTATGGGTCTGGTTACATATCGGGCCCTGGATACAAGCTT
HindIII